

La biodiversidad invisible

FRANCISCO GARCÍA OLMEDO

REAL ACADEMIA DE INGENIERÍA

nº 149 - mayo 2009

Durante la cena con Craig Venter hablamos de biodiversidad; la media docena de comensales éramos todos científicos. La biodiversidad de la que hablamos no es esa tan presente en los medios de comunicación, en los que dicha palabra aparece siempre acompañada del adjetivo «amenazada». En efecto, la diversidad biológica del planeta, la de los seres vivos que lo habitan, está en peligro por la actividad humana: la destrucción del hábitat, el cambio climático antropogénico, la explotación desmedida de los recursos naturales y otros desmanes amenazan la supervivencia de miles de especies conocidas, del tigre al lince, habitantes de nuestro mundo visible. Nuestra conversación está centrada, en cambio, en la biodiversidad invisible, la diversidad invisible de los genomas de los seres que vemos con nuestros ojos y la diversidad de los seres vivos microscópicos que no vemos y, sin embargo, dominan el planeta, tanto por el número de sus variantes como por la cantidad de biomasa que representan y los papeles esenciales que desempeñan en la fisiología de plantas y animales y en el funcionamiento de los grandes ciclos geoquímicos de la biosfera. La biodiversidad invisible, en su mayor parte ignorada hasta hace media docena de años, es objeto de estudio masivo en la actualidad. Cabe conjeturar que la amenaza contra esta diversidad microscópica no es tan grave como la existente contra la macroscópica, ya que, por ejemplo, sería menos sensible a la fragmentación del hábitat, fenómeno más devastador que la mera reducción de la superficie de éste, en el caso de la diversidad visible, pero resulta prematuro pronunciarse sobre esta cuestión.

Esa misma mañana (3 de octubre de 2005), Venter había hablado con la misma soltura de millones de euros, mientras desayunaba y compartía rueda de prensa con el presidente de un importante banco español. Venía de conseguir apoyo financiero para crear por vía sintética una célula viva, un proyecto que hubiera resultado inverosímil en boca de cualquier otro científico. En la rueda de prensa le habían preguntado si esperaba que le dieran el Premio Nobel de Medicina, que se fallaba esa mañana, y él había contestado con una evasiva. Unas horas después se supo que no se había premiado la megaciencia de la secuenciación del genoma humano sino la inteligente artesanía de Barry J. Marshall y J. Robin Warren, modestos científicos australianos que habían logrado identificar el papel de la bacteria *Helicobacter pylori* en la gastritis y en la úlcera péptica. Craig Venter no se mostraba decepcionado por la noticia y habló elogiosamente de los premiados.

—¿Cuántas especies crees que pueden vivir en mi boca? —le pregunté.

—No sé, hasta unas cinco mil, supongo —contestó.

—Quizá por eso hasta una inocente mordedura infantil puede ser peligrosa —dije yo, refiriéndome al caso de un niño que en ese momento estaba en cuidados intensivos, pocas horas después de ser mordido por otro.

—No lo había visto así —admitió sorprendido.

Nos habitan millones de seres de incontables especies, una decena por cada célula viva que podamos llamar nuestra. Desconocemos la mayor parte de los organismos que habitan en nosotros o que pueblan hasta el más recóndito rincón del planeta.

Después de aquella cena he vuelto a encontrarme al menos en tres ocasiones con Craig Venter, si bien de forma virtual: al final de su ambicioso viaje de exploración de la biodiversidad marina¹, en el que su barco, el *Sorcerer II*, emuló al *Beagle*; luego, cuando se publicó la hazaña técnica de

la síntesis química completa de un genoma bacteriano², el de *Mycoplasma genitalium*, un patógeno de vías urinarias con unos tres centenares de genes; y, finalmente, con motivo de la reciente publicación en español de su autobiografía, *La vida descodificada*³.

CRAIG VENTER

La autobiografía en cuestión es una obra narrativa de primer orden, llena de insólitas peripecias humanas, intrigas académicas y empresariales, variados escenarios, ajustes de cuentas, conflictos apasionados y personajes de carne y hueso, capaces a un tiempo de actos elevados y de comportamientos mezquinos. De forma inevitable, contiene también explicaciones científicas que tal vez resulten menos excitantes para algunos lectores. Además, como el autor y James D. Watson son los primeros seres humanos cuyo genoma individual se ha secuenciado, ésta es la primera autobiografía en la historia que lleva como apéndice la secuencia completa del genoma del autor, de modo que irá permitiendo saber más sobre su vida, según vaya avanzándose en el estudio de cómo los genes determinan o influyen, en mayor o menor grado, sobre la trayectoria vital. De hecho, en recuadros distribuidos a lo largo del texto, el autor discute cómo han podido influirle determinadas variantes génicas que le han tocado en suerte, exprimiendo tal vez en exceso lo poco que se sabe todavía sobre el asunto.

En su niñez evitó el colegio todo lo que pudo, aprovechando un escaso control familiar, y se aficionó a la navegación, ya para toda la vida, e incluso fabricó un hidroplano que venía descrito en la revista *Mecánica Popular*. De adolescente se dedicó a practicar el surf en el sur de California y sobresalió en atletismo y en natación. Su temprano desparpajo para hacer cosas con sus manos, su amor al riesgo y su extremo espíritu competitivo lo acompañarían de forma determinante en su más tardía carrera científica. El reclutamiento militar forzoso lo expulsó de su paraíso y lo llevó a Vietnam como enfermero. Acabó de jefe de la UVI en el hospital estadounidense de Da Nang, lo que le salvó de los especiales peligros de los enfermeros en el frente, pero no le evitó el horror diario del sufrimiento, la mutilación y la muerte. Cuenta que, en un cierto momento, se alejó de la costa a nado con intención de dejarse ahogar y que le acabó disuadiendo el ataque de un tiburón.

A su vuelta de Vietnam decidió hacerse médico, pero antes tuvo que intentar paliar a toda velocidad las considerables deficiencias de su historial académico. Por el camino se enamoró de la ciencia experimental y resulta sorprendente que, a los pocos meses de trabajo, lograra su primera publicación en la prestigiosa revista de la Academia de Ciencias de Estados Unidos. Se le contrata en los Institutos Nacionales de la Salud (NIH), después de una corta y brillante etapa como profesor universitario, y es allí donde adquiere uno de los primeros modelos de secuenciador de ADN, un trasto que no le funcionaba a casi nadie, salvo a él, lo que sellaría su destino científico.

El intento de formar parte del consorcio para secuenciar el genoma humano es rechazado frontalmente por quien entonces lo preside, James D. Watson, premio Nobel y codescubridor de la famosa doble hélice. Se inicia así una enconada batalla cuya primera víctima es el propio Watson, quien debe dimitir como líder del proyecto por conflicto de intereses, y abandona los NIH. Poco después será Venter quien los abandone para iniciar su lucha como David privado frente al Goliath del proyecto público que enseguida se convertiría en proyecto internacional. Craig Venter ha sido retratado como el chico malo de esta historia, pero las verosímiles alegaciones que se detallan en la autobiografía indican que ninguno de los actores de uno y otro bando acabó en condiciones de tirar la primera piedra. Las estrategias de los dos proyectos,

público y privado, difieren radicalmente: en el primero se opta por dividir el gran rompecabezas del genoma en una colección ordenada de rompecabezas menores, que resolverán los distintos miembros del consorcio para, a partir de éstos, reconstruir la imagen global; en el de Venter se elige abordar directamente la imagen completa. Los desarrollos teóricos y técnicos que fueron necesarios para seguir esta última estrategia fueron los que luego habrían de facilitar el estudio de la biodiversidad invisible de nuestro planeta. Los años de la lucha por secuenciar el genoma humano, la parte más trepidante del libro, acaban con los protagonistas ensangrentados firmando unas tablas en la Casa Blanca, en presencia de Clinton, así como de Blair por videoconferencia. Chico malo o menos malo, Venter ha llegado a ese punto en menos tiempo, con una inversión económica muy inferior y siguiendo un método propio que todos vaticinaban que no funcionaría. El logro de Venter molestó en extremo, y sigue molestando, en los medios científicos, institucionales y políticos vinculados al gigantesco proyecto público.

Una característica esencial de Venter es su capacidad para pensar y gestionar a gran escala: cientos de secuenciadores funcionando a un tiempo, el desarrollo de un algoritmo matemático apropiado, capaz de reconstruir el gigantesco rompecabezas, y la capacidad y velocidad de computación máximas que podía ofrecer una industria en rápida evolución, como es la de los grandes ordenadores. De este considerable avance técnico habría de surgir el concepto y práctica del análisis metagenómico o, si se prefiere, de la metagenómica, términos que tienen apenas una década. Dicho análisis consiste en tomar una muestra de un medio dado (digamos, por ejemplo, un gramo de tierra), extraer directamente todo el ADN que contiene, fraccionarlo, secuenciarlo y recomponer, a partir de las secuencias parciales, los genomas de cada uno de los organismos distintos que conviven en esa muestra. Cuando Venter solicitó apoyo público para un proyecto de metagenómica, los evaluadores volvieron a decirle que su aproximación no era viable. Para rebatir este juicio adverso, Venter rompió, de forma virtual y al azar, una mezcla del centenar de genomas bacterianos que se conocían hasta aquel momento y, mediante la aplicación del antes mencionado algoritmo, se logró la recomposición de cada uno de los genomas previamente fraccionados y mezclados. Como veremos, la importancia de esta aproximación estriba en el hecho de que sólo una minúscula fracción de los microorganismos existentes se dejan cultivar de forma aislada y, en consecuencia, no han podido ser estudiados. Los primeros resultados de este tipo de análisis, que se obtuvieron a principios de 2003, desvelaron ya la enorme abundancia y diversidad de los virus marinos. Actualmente sólo conocemos una fracción cuantitativamente desdeñable del mundo microbiano y existen numerosas iniciativas para investigarlo, pero antes de glosar las primeras impresiones de estas pesquisas debemos detenernos a considerar la todavía joven historia del concepto general de biodiversidad.

DE WILSON A VENTER

En septiembre de 1986 tuvo lugar en Washington el *National Forum on BioDiversity*, convocado en estos términos por Walter G. Rosen, a quien se atribuye esta contracción de las palabras *biological diversity* con que se había venido aludiendo, desde principios de los años ochenta, a la variabilidad de los seres vivos en la biosfera, tanto dentro de una especie dada

como entre especies u otros niveles taxonómicos, así como entre ecosistemas u otros ámbitos terráqueos. Las actas de este foro aparecieron dos años más tarde bajo el título *Biodiversity* en una publicación ya histórica cuyo editor fue Edward O. Wilson, asistido por Frances M. Peter⁴. El profesor de Harvard, Edward O. Wilson, es de sobra conocido y su trayectoria vital no ha estado ciertamente exenta de polémica, especialmente desde que publicó en 1975 el libro *Sociobiology. The new Synthesis*⁵, bautizando una nueva disciplina centrada en indagar el papel de la selección natural y la evolución en la formación de sociedades y el surgimiento del altruismo en pro de la especie. Sus ideas no fueron bien recibidas en muchos sectores, especialmente las relativas al ser humano que, según Wilson, es el animal social por excelencia. Las críticas más severas le vinieron desde el marxismo de Stephen Jay Gould y Richard Lewontin. En el calor de las disputas, un asistente a una de sus conferencias le llegó a arrojar una jarra de agua.

El propio Wilson fue coautor del primer capítulo de *Biodiversity*, en el que se incluía una estimación del número de especies descritas hasta aquel momento, que eran alrededor de 1,4 millones: 750.000 de insectos, 250.000 de plantas, 41.000 de vertebrados, menos de 50.000 de hongos y menos de 5.000 de bacterias, por citar algunas cifras parciales. En las dos décadas transcurridas desde la publicación de ese inventario, las cifras correspondientes a las especies conocidas han aumentado sustancialmente en todas las categorías, algo que era esperable, pero la sorpresa ha sido hasta qué punto la biodiversidad microbiana había sido groseramente subestimada. Hoy sabemos que existen decenas de millones de especies desconocidas de virus, bacterias, hongos microscópicos y otros organismos invisibles a simple vista. La forma de vida más abundante en la Tierra en términos de biomasa está representada por las bacterias del sedimento marino, aunque los virus marinos, seres capaces de replicarse pero no de realizar metabolismo vital, son mayores en número. Es esta increíble riqueza microscópica la que domina la vida en el planeta. Intuitivos como son los conceptos de biodiversidad y de especie, en su uso práctico no son tan aseados. El término biodiversidad no significa lo mismo para un taxónomo, un ecólogo o un economista. Incluso las discrepancias dentro de cualquiera de estos grupos pueden ser notables. Una de las definiciones más usadas se expresaría como «la totalidad de genes, especies y ecosistemas de un ámbito dado», definición que opera en tres planos, el genético, el taxonómico y el ecológico. Si se considera al gen como la unidad fundamental de selección, puede opinarse, como lo hace Wilson, que la biodiversidad real es la diversidad genética, la que atañe a genes y genomas. El desarrollo y creciente eficiencia de los métodos de secuenciación de ADN han abierto el camino a la objetivación de esta biodiversidad real de carácter genético. Si inicialmente el objetivo ha sido secuenciar genomas de referencia de tantas especies conocidas como ha sido posible, lo que está arrojando nueva luz sobre la filogenética y los mecanismos evolutivos, en una fase más reciente se ha iniciado, como veremos, una vigorosa investigación de la diversidad genética intraespecífica y de la de una infinidad de especies desconocidas. Cuando hablamos de biodiversidad invisible nos referimos tanto a la genética oculta en los seres visibles, plantas o animales, como a la correspondiente a los organismos microscópicos, categoría que incluye no sólo los virus, la arqueobacterias y las eubacterias, sino la mayor parte de los organismos superiores (eucariotas). Recuérdese que cuatro de cada cinco especies animales son nematodos microscópicos.

Lo dicho deja fuera consideraciones conceptuales y métricas, así como matices que pueden ser relevantes según el contexto. Por ejemplo, cabría hacerse preguntas como las siguientes: ¿Son todas las especies iguales, o unas más iguales que otras, a los ojos del Señor? ¿Deben las sociedades protectoras incluir las bacterias entre sus objetivos? ¿No es relevante el tamaño y

proporción relativa de la población de cada especie presente en un determinado ámbito, en lugar del número de especies? ¿Qué grado de diversidad existe entre las diversas especies? ¿Hay especies más esenciales o más redundantes que otras para el funcionamiento de los ecosistemas? No caben aquí las respuestas a estas preguntas que, por cierto, no son fáciles de abordar.

Por razones prácticas obvias, la biodiversidad visible sigue teniendo a la especie como nivel taxonómico más seguro, a pesar de que el concepto de especie es menos concreto de lo que pudiera parecer. La taxonomía es un artificio sujeto a incoherencias y confusiones. Así, por ejemplo, los genéticos no aceptan como especies muchas de las que proponen los taxónomos y éstos acaban a menudo proponiendo varios nombres específicos a un mismo ente biológico. La biodiversidad visible representa apenas unas pocas hojas del frondoso árbol de la vida y sería desdeñable dentro del conjunto si en ella no residieran de forma singular ciertas propiedades y fenómenos: formas, colores y sonidos, la gran diversidad de hábitos y emociones, la conciencia y el lenguaje. Toda esta rica y variopinta realidad se refleja más o menos directamente en un código único que es el de los genes y los genomas y, al tener acceso por primera vez a ellos, se hace visible lo invisible y se ofrece la posibilidad del estudio sistemático de coincidencias y diferencias dentro de cada especie y entre las distintas especies.

En cambio, para la biodiversidad invisible, la mayor parte de la cual corresponde a organismos que hasta ahora no se han dejado aislar y cultivar separadamente, no existe otra vía de estudio que la representada por los análisis genómico y metagenómico, que tienen como puntos focales al gen y la proteína que éste codifica. Se manejan entonces familias de genes y de proteínas y, a partir de los genes, se recompondrán, en la medida de lo posible, los genomas. En la práctica, los genomas se agrupan en «unidades taxonómicas operativas» que son aproximadamente equivalentes a especies. Así, se habla de «ribotipos», cuando la clasificación se basa en las similitudes y diferencias de unos genes concretos, los ribosómicos, y otras veces se usa el término «filotipo», si quiere resaltarse la relevancia filogenética.

En los apartados siguientes ilustraremos estas ideas con varios ejemplos relevantes y resaltaremos el contraste de la diversidad invisible con la visible.

EL SER HUMANO COMO ECOSISTEMA

Hace una década escribí en esta revista dos largos ensayos⁶ que esencialmente expresaban mi optimismo respecto a las perspectivas de éxito de la secuenciación del genoma humano, en parte como reacción ante el escepticismo radical de Lewontin. Daba cuenta entonces de cómo el grupo de Cavalli-Sforza en la Universidad de Stanford había iniciado, junto con otros grupos, un programa piloto de recogida de cultivos celulares de poblaciones representativas de la especie humana para su estudio genético. Este esfuerzo representaba la avanzadilla de una iniciativa más ambiciosa, el programa «Diversidad genómica humana», que proponía un muestreo de las cinco mil poblaciones humanas existentes, antes que muchas de ellas desaparecieran por mestizaje. Este proyecto nunca se abordó, tanto por razones económicas como por una fuerte oposición ideológica y política. El estudio de la diversidad humana se ha concretado por fin en un proyecto más restringido, el llamado de los mil genomas.

Aparte de los dos primeros genomas humanos de referencia (cada uno, mezcla de los de varios individuos) y de los genomas individuales de Venter y Watson, se ha propagado en los últimos meses una especie de fiebre de la variabilidad genómica. El proyecto de los mil genomas es

viable gracias a la simplificación y el abaratamiento extremos que han sufrido las técnicas de secuenciación, lo que permite abordar en tres años, por unos meros cincuenta millones de dólares, la obtención de una cantidad de información genética mil veces superior. Venter, de nuevo crítico con el proyecto público, ha abordado la secuenciación inmediata de diez genomas individuales y habla de completar diez mil en una década. China ha puesto en marcha también su propio proyecto, que será complementario del de los mil genomas. Aparte de un mejor entendimiento de la diversidad humana, estos y otros proyectos permitirán disponer de marcadores genéticos asociados no sólo a enfermedades comunes, tales como la diabetes y las cardiovasculares, sino de otras patologías menos frecuentes. Ya hay una compañía que ofrece la secuenciación individual a veinte clientes que estén dispuestos a gastarse 350.000 dólares, un despilfarro de escasa utilidad para el individuo, que le expone en el futuro a ser discriminado por sus defectos genéticos. Además, conforme avance nuestra capacidad de interpretar la secuencia genómica, el genoma individual puede llegar a revelar lo que no desea saberse. Lo de «yo y mis circunstancias» podría cambiarse por «mi ADN y el de los que habitan en mí», ya que estos seres me acompañan a todas partes sin que pueda sacudírmelos. No es cuestión de postular a ese conjunto de seres vivos, nuestro microbioma, como sede del alma, aunque sus componentes sean también inmortales por su capacidad de reproducirse de forma indefinida, pero sí puede afirmarse que afectan de modo importante a nuestras vidas, a los momentos de bienestar y a los de malestar. Así, por ejemplo, los ratones que se crían en una burbuja aséptica tienen un sistema inmune débil, un sistema digestivo deficiente y órganos internos anormalmente pequeños, y todo indica que en humanos ocurriría de forma similar. ¿Fue grande Carlomagno por su genoma o por su microbioma?, cabe preguntarse. También como nuestra alma, el microbioma humano ha sido poco y mal investigado. Esta situación está cambiando rápidamente, ya que se han puesto en marcha internacionalmente no menos de ocho proyectos con una inversión global de casi 180 millones de dólares. Ilustremos esta iniciativa con algunos ejemplos.

Nuestra piel es un continente de variados cielos y distintas regiones que pueden estar habitadas hasta por diez millones de bacterias por centímetro cuadrado. Muchas de estas bacterias no son meros transeúntes, sino rústicos lugareños, adaptados a resistir las inclemencias de cada lugar: erosión de la capa superficial de células, las defensas antimicrobianas del huésped, la sequía, la irradiación ultravioleta, los jabones y los detergentes. Son sorprendentemente numerosas las que viven bajo nuestra piel.

Un estudio muy reciente ha dado cuenta de los habitantes de un lugar muy concreto de la piel corporal: la palma de la mano⁷. Los datos obtenidos se refieren a las manos dominantes y no dominantes de 51 jóvenes adultos. Una mano típica podía tener más de ciento cincuenta especies exclusivas de ella y se identificaron hasta casi cinco mil filotipos distintos en el conjunto de las manos. A pesar de que una serie de especies aparecía consistentemente en todas las manos estudiadas, se encontraron diferencias entre la mano dominante y la no dominante de un mismo individuo, entre individuos, y entre hombres y mujeres: la diversidad de composición de la comunidad bacteriana era mayor en las mujeres que en los hombres, y estaba influida por el tiempo transcurrido desde el último lavado. A este último respecto cabe citar que existe un gen en el ratón cuya disfunción lo lleva a lavarse sin cesar y se conocen personas que parecen padecer un síndrome similar que les lleva a lavarse las manos compulsivamente. El estudio que comentamos nos muestra que el ser humano nunca logra lavarse por completo las manos por mucho que lo intente.

Otras regiones corporales albergan distintas floras cuyo estudio puede arrojar información

relevante para entender el funcionamiento del organismo animal. Así por ejemplo, hace décadas que conocemos el peligro que supone albergar en nuestros pulmones el bacilo de la tuberculosis, pero sólo el análisis metagenómico puede darnos noticia de tantos organismos pulmonares que desconocíamos porque no se prestaban a ser aislados y cultivados separadamente. En la respiración, centenares de bacterias entran y salen continuamente. Si filtramos el aire, retendremos un elenco distinto de microorganismos según las circunstancias: diferentes si se hace en el último piso del Empire State Building, en el piso número 20 o a ras de calle, y si el viento sopla del mar o del continente.

Las prospecciones preliminares del aparato digestivo indican que el repertorio de sus pobladores está influido por la constitución genética del huésped, la edad, el estilo de vida y la situación geográfica. Además, dicha población forma parte de nuestra herencia extragenómica. Heredamos, por ejemplo, una cepa concreta de *Helicobacter pylori*, hasta el punto de que dicha circunstancia permite dirimir problemas de identificación de antecesores; así, por ejemplo, se ha podido establecer que la colonización humana de la Polinesia ocurrió en dos oleadas, separadas por muchos miles de años. Están investigándose activamente los perfiles bacterianos del intestino con el fin de dilucidar sus relaciones con situaciones clínicas concretas, tales como la obesidad o la enfermedad inflamatoria intestinal. Hace ya tres años que Jeffrey Gordon encontró que el perfil bacteriano de los intestinos de las personas delgadas era característicamente distinto del de las obesas. El significado de este hallazgo hay que buscarlo en estudios previos realizados con ratones que indican que parte de la propensión a ganar peso podría radicar en la presencia de ciertas bacterias en los obesos que contribuirían a obtener un mayor rendimiento calórico a partir de una cantidad determinada de alimento.

EL VIAJE DEL «SORCERER II»

El análisis metagenómico de los distintos ecosistemas del planeta es tan relevante como pueda ser el de los microbiomas animales. Las aventuras marineras de Craig Venter pueden ilustrar la relevancia de estos estudios. He aludido ya al examen virtual que hubo de pasar Venter para validar los métodos con que se proponía estudiar la biodiversidad. La prueba práctica definitiva consistió en la exploración en marzo de 2004 de un ecosistema marino concreto, el del mar de los Sargazos⁸. Hasta ese momento estaba muy extendida la idea de que el mencionado mar estaba más bien desierto de vida por su escasez de nutrientes. La primera sorpresa fue constatar que éste no era el caso, ya que en una sola batida de muestreo de la superficie se identificaron al menos 1.800 especies bacterianas, después de secuenciar más de mil millones de pares de bases. Además, 148 de los filotipos (estirpes) encontrados eran por completo desconocidos previamente, como lo eran 1,2 millones de los genes caracterizados. Entre estos últimos, la gran novedad estaba representada por 782 genes que codificaban distintas variantes de un nuevo tipo de fotorreceptor (convertidor de energía luminosa) que probablemente explicaba la vitalidad del bacterioplancton estudiado.

En octubre de 2005, cuando conocí a Venter, contó que estaba en curso un ambicioso proyecto de prospección que iba a cubrir muchos más ecosistemas marinos. Venter había sido un avezado navegante desde joven, incluso había vencido en algunas regatas transoceánicas, y había sido su yate privado, el *Sorcerer II*, el que había sido acondicionado como laboratorio para poder recoger y almacenar las muestras hasta su envío al laboratorio. Venter había hecho parte de la ruta y volvería a embarcarse. La expedición, que duró nueve meses, partió de Halifax, Canadá,

cruzó al océano Pacífico por el canal de Panamá, se entretuvo alrededor de las islas Galápagos y se adentró otros 6.500 kilómetros en el Pacífico. Tomaron muestras en 41 localizaciones, anotando en cada caso la temperatura, la salinidad, la acidez (pH), la concentración de oxígeno y la profundidad⁹.

De la complejidad de los ecosistemas investigados da una idea el hecho de que la mitad de los casi ocho millones de trozos de ADN secuenciados fueran tan distintos de los otros que no resultaban ensamblados en genomas (para hacerlo habría que haber secuenciado mucho más ADN). Aun así, se descubrieron más de cuatrocientas nuevas especies microbianas, cien de las cuales eran lo bastante distintas a las previamente descritas como para definir nuevas familias taxonómicas¹⁰. En esta prospección, la tasa de novedades crece en estricta proporcionalidad al número de secuencias que se determinan (no se encuentran cromos repetidos), lo que implica que la descripción de la biodiversidad marina puede llevar más de los veinticinco años que empleó Darwin en estudiar las muestras del viaje del Beagle. Estos datos también contradicen la teoría ecológica tradicional, la cual predice que cuando múltiples especies compiten por los mismos recursos —en el mar, luz y nutrientes disueltos— una, o unas pocas, acaban dominando. Que esto no es así queda demostrado por el hecho de que, en las muestras marinas, el número de genes nuevos sigue siendo directamente proporcional a la cantidad de secuencia que va determinándose. En otras palabras, los sellos comprados al azar no resultan estar repetidos en la colección. A esto se refieren los que hablan de «la paradoja del plancton».

EL SUELO BAJO NUESTROS PIES

Se atribuye a Leonardo da Vinci la afirmación de que «sabemos más sobre el movimiento de los cuerpos celestes que sobre el suelo bajo nuestros pies». Hoy sabemos al menos que hay más biomasa bajo tierra que la representada por todas las especies vegetales y animales que viven de ella en mayor o menor grado. Hay quien opina que lo que hay debajo es más maravilloso que lo que hay encima. Consideremos a grandes rasgos los ecosistemas terrestres y examinemos brevemente los agrícolas.

Poco sabemos todavía sobre los procesos mediados por los seres vivos que habitan en el suelo, pero puede afirmarse que desempeñan papeles cruciales en el reciclado de la materia orgánica, la purificación del agua, la destoxificación de compuestos adversos y en el suministro de nutrientes, tales como el nitrógeno y el fósforo, a las plantas. Sin ellos, florecientes regiones del planeta serían prácticamente desérticas.

Los suelos representan un infinito dédalo tridimensional de microentornos habitados por una gama de seres vivos cuya biodiversidad supera en magnitud a la de la biosfera visible, incluso a la muy rica del bosque tropical. La diversidad y la abundancia relativa de las poblaciones vienen determinadas por factores del suelo que pueden variar considerablemente en centímetros, tal sería el caso de la abundancia de oxígeno y de nutrientes o la acidez (pH). Cuanto más ácido es el suelo, menor biodiversidad presenta, por lo que, paradójicamente, los suelos que sustentan el muy biodiverso bosque tropical son los que presentan bajo tierra la menor biodiversidad, ya que son considerablemente ácidos.

No hay ningún medio que sea tan variable por unidad de superficie como el suelo y, de nuevo, la dificultad para el estudio de esa variación es que el 99% de los microbios que lo habitan no se dejan aislar y cultivar separadamente. El análisis metagenómico de los suelos del planeta se inició en abril de 2005 con el estudio de un suelo agrícola en Minnesota, al que han seguido

otros. Una antigua estimación de 1990, limitó a 4.000 genomas bacterianos distintos por gramo de suelo la citada biodiversidad, cifra que ha sufrido considerables oscilaciones en estudios más recientes, hasta concretarse en un intervalo de 10.000 a 50.000 especies por gramo aunque, por razones técnicas, lo que en realidad se determinan son las ya aludidas unidades taxonómicas operativas. Puede decirse que lo que estamos aprendiendo por la vía metagenómica aumenta, en lugar de reducir, la aparente dimensión de lo que desconocemos.

MALENTENDIDOS SOBRE LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO LABORABLE

El uso del concepto de biodiversidad en relación con la práctica agrícola es con frecuencia errado. La mayor agresión medioambiental de la producción de alimentos es precisamente la conversión del medio silvestre en suelo laborable. Dos estudios recientes¹¹ demuestran que, si se convierten bosques tropicales, turberas, sabanas o pastizales a la producción de cosechas, en Brasil, el sureste asiático o Estados Unidos, se crea una «deuda carbónica» que puede representar entre 17 y 420 veces el ahorro anual de emisiones que supondría, por ejemplo, la producción de biocarburantes, lo que significa que la conversión comporta una masiva destrucción de biodiversidad, tanto visible como invisible, y la liberación a la atmósfera de todo el carbono que formaba parte de los organismos destruidos («quemados»). Hay que insistir en que la agricultura es tanto más agresiva con la biodiversidad cuanto más extensiva, cuanto más suelo necesita para producir una cantidad determinada de alimento, si bien, sea cual sea su intensidad, deberá tener como absoluta prioridad la conservación del suelo como elemento productivo. A igualdad de otros factores, el cultivo sin laboreo o con laboreo mínimo mantiene la máxima biodiversidad del suelo laborable.

La biodiversidad visible en el campo de cultivo está dominada por las malas hierbas o malezas y por las especies cultivadas. Las malas hierbas o malezas reducen los rendimientos de las cosechas fundamentalmente por la competencia que establecen con la planta cultivada por los factores limitantes de la producción: nutrientes, agua y luz. En la práctica, el control de las malas hierbas es indispensable para un cultivo productivo y rentable, hasta tal punto que supone uno de los principales elementos en los costes de producción: mano de obra, cuando se hace a mano; energía, cuando se aborda mecánicamente, o productos fitosanitarios, cuando se resuelve mediante herbicidas. En principio, una maleza es una planta no deseada en el campo de cultivo, cualesquiera que sean sus gracias en otros hábitats. La conservación de la biodiversidad es un objetivo incontestable, pero esto no contradice que deba lucharse contra las malezas ya que, si no se hace, el rendimiento queda seriamente disminuido y se da lugar a una mayor destrucción de biodiversidad, porque se requiere mucho más suelo para producir una misma cantidad de alimento. Conviene insistir en que, por mucho que haya que preservar la biodiversidad, la lucha contra plagas, agentes patógenos y, en general, contra los adversarios de las plantas y los animales, incluidos los humanos, es una prioridad. Por ejemplo, la Organización Mundial de la Salud autoriza todavía el DDT para controlar el mosquito vector de la malaria en más de veinte países.

Las plantas cultivadas tienen una base genética muy estrecha, ya que su domesticación ha ocurrido usualmente una o dos veces en la historia de la humanidad. Su diversificación posterior no ha dependido tanto de la creación por mutación de nuevas variantes génicas como de un proceso combinatorio de las variantes génicas existentes. El número de combinaciones de una colección de variantes génicas es enorme. Desde hace milenios unas combinaciones génicas

(variedades cultivadas) han ido siendo sustituidas por otras más productivas y con mejores propiedades, de un modo no tan distinto a como los modernos automóviles híbridos han dejado hace mucho tiempo en la cuneta al Ford T. No había nada mágico en esas variedades que, de todos modos, se han venido recolectando y preservando en bancos de germoplasma. Sin ir más lejos, hace sólo unos meses se ha inaugurado un banco internacional de esta naturaleza en una cueva helada en Noruega. Estos bancos no sólo albergan material cultivado sino también accesiones de especies silvestres estrechamente relacionadas con las cultivadas. La evaluación de lo que hay almacenado en todos los bancos existentes debe hacerse y se ha hecho en la actualidad desde el punto de vista de la biodiversidad génica real¹², llegándose a la conclusión de que existe bastante redundancia en la representación de las variantes génicas en el material cultivado, lo que cabría esperar por su estrecha base genética, y de que, en cambio, la representación de la variabilidad real en el material silvestre es muy pobre. Tal vez deberían haberse almacenado más accesiones de este último. La rutinaria palinodia respecto al protagonismo de las nuevas variedades no está en su mayor parte justificada.

PROTAGONISMO DE LO INVISIBLE

Los humanos dependemos tanto de los seres invisibles como podamos hacerlo de los visibles, ya que la vida que no vemos, más abundante y variada, desempeña papeles esenciales en el funcionamiento de los ecosistemas que nos sustentan y en nuestra propia fisiología. El creciente tamaño de la población y el incesante aumento del consumo per cápita amenazan seriamente nuestro entorno y están erosionando de modo alarmante la biodiversidad visible. Esto último es así tanto si creemos las exageraciones delirantes de autores como Ehrlich (250.000 especies extinguidas al año) o el mismo Wilson (entre 27.000 y 100.000 especies/año) como si nos inclinamos por estimaciones más sobrias, como las de Myers (40.000 especies/año) y de la Unión para la Conservación Mundial (2.250 especies/año). No resulta fácil contabilizar la disminución de un inventario que está lejos de haberse completado. Según algunos expertos más optimistas, la tasa a que el mundo pierde especies conocidas es la mitad de la de hace un siglo, pero todavía es entre cien y doscientas veces mayor a la que se esperaría en ausencia de la especie humana, cuya extinción resolvería el problema. Aunque, como hemos indicado, no puede comprobarse por ahora, no parece que la vida invisible esté amenazada en la misma medida.

1. Shibu Yooseph et al., «The *Sorcerer II* Global Ocean Sampling Expedition: Expanding the Universe of Protein Families», *PLoS Biology*, vol. 5, núm. 3 (marzo de 2007), pp. 432-436. [↵](#)
2. Daniel G. Gibson et al., «Complete Chemical Synthesis, Assembly, and Cloning of a *Mycoplasma genitalium* Genome», *Science*, vol. 319, núm. 5867 (febrero de 2008), pp. 1215-1220. [↵](#)
3. Craig Venter, *La vida descodificada*, trad. de Jesús Fabregat, Madrid, Espasa-Calpe, 2008. [↵](#)
4. Edward O. Wilson y Frances M. Peter, *Biodiversity*, Washington, National Academy Press, 1988. [↵](#)
5. Edward O. Wilson, *Sociobiology. The New Synthesis*, Cambridge, Harvard University Press, 1975 (*Sociobiología*, trad. de Ramón Navarro, Barcelona, Omega, 2008). [↵](#)
6. Francisco García Olmedo, «Genoma y variaciones», *Revista de Libros* núm. 18 (junio de 1998), pp. 23-27, y «Cavalli-Sforza. De los genes a la felicidad», *Revista de Libros* núm. 23 (noviembre de 1998), pp. 3-7. [↵](#)

7. Zhan Gao et al., «Molecular analysis of human forearm superficial skin bacterial biota», *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 104, núm. 8 (febrero de 2007), pp. 2927–2932. [↵](#)
8. Craig Venter et al., «Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea», *Science*, vol. 304, núm. 5667 (abril de 2004), pp. 66-74. [↵](#)
9. Shibu Yooseph *et al.* , art. cit. [↵](#)
10. Shibu Yooseph *et al.* , art. cit. [↵](#)
11. Joseph Fargione *et al.* , «Land Clearing and the Biofuel Carbon Debt», *Science*, vol. 319, núm. 5867 (febrero de 2008), pp. 1235-1238, y Timothy Searchinger *et al.*, «Use of U.S. Croplands for Biofuels Increases Greenhouse Gases Through Emissions from Land-Use Change», *Science*, vol. 319, núm. 5867 (febrero de 2008), pp. 1238-1240. [↵](#)
12. Steven D. Tanksley y Susan R. McCouch, «Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild», *Science*, vol. 277, n.º 5329 (agosto de 1997), pp. 1063-1066. [↵](#)